

**Дмитриева Л. Н., Чумачкова Е.А., Краснов Я.М., Мартынова А.А., Иванова
А.В., Карнаухов И. Г., Караваева Т.Б., Щербакова С. А.**

**Распространение вариантов вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес
(VOI) и находящихся под наблюдением (VUM), на основе количества их ге-
номов, депонированных в базу данных GISAID
за неделю с 10 по 16 января 2026г.**

*ФКУН Российской научно-исследовательский противочумный институт «Микроб»
Роспотребнадзора, Саратов, Российская Федерация*

В обзоре представлена информация по циркулирующим в настоящее время вариантам вируса SARS-COV-2 Omicron вызывающих интерес (VOI) и находящихся под наблюдением (VUM), геномные последовательности которых размещены в международной базе данных GISAID за неделю с 10 по 16 января 2026г.

В соответствии с классификацией ВОЗ со 2 декабря 2024 г. к вариантам вируса SARS-COV-2, вызывающих интерес (VOIs), отнесен один субвариант: JN.1 (таблица 1), в группу вариантов, находящихся под наблюдением (VUMs) с 5 декабря 2025 г. включены пять субвариантов, а именно KP.3.1.1, LP.8.1, NB.1.8.1, XFG и BA.3.2 (таблица 2). Технической консультативной группой по эволюции вирусов (TAG-VE) из списка VUM исключен субвариант KP.3 из-за его низкой глобальной распространенности и внесен субвариант BA.3.2, демонстрирующий низкую, но устойчивую циркуляцию в мире.

В октябре 2025 года GISAID прекратила регулярное обновление своих данных по hCoV-19 (SARS-CoV-2) в нескольких базах данных, включая Nextstrain, covSPECTRUM и outbreak.info, что серьёзно ограничило набор инструментов, которые использовались во всём мире для мониторинга и реагирования на появление вариантов SARS-CoV-2.

Таблица 1. Варианты, вызывающие интерес (VOIs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 16 января 2026 г.)

Pango lineage	Next strain clade	Genetic features	Earliest documented samples	Date of designation and risk assessments
JN.1 [#]	24A	BA.2.86 + S:L455S	25-08-2023	<p>18-12-2023</p> <p><u>JN.1 Initial Risk Evaluation</u> <u>18 December 2023</u></p> <p><u>JN.1 Updated Risk Evaluation</u> <u>Evaluation 9 February 2024</u></p> <p><u>JN.1 Updated Risk Evaluation</u> <u>15 April 2024</u></p>

Исключая сублинии JN.1, указанные как VUM

Таблица 2. Варианты, находящиеся под наблюдением (VUMs) и циркулирующие в настоящее время (по состоянию на 16 января 2026 г.)

Currently circulating variants under monitoring (VUMs) (as of 5 Dec. 2025)

Pango lineage	Next strain clade	Genetic features	Earliest documented samples	Date of designation and risk assessments
KP.3.1.1	24E	KP.3 + S:S31-	27-03-2024	19-07-2024
LP.8.1	25A	JN1 + S:S31-, S:F186L, S:R190S, S:R346T, S:V445R, S:F456L, S:Q493E, S:K1086R, S:V1104L	01-07-2024	24-01-2025 LP.8.1 Initial Risk Evaluation 03 February 2025
NB.1.8.1	25B	JN1 + S:T22N, S:F59S, S:G184S, S:A435S, S:F456L, S:T478I, S:Q493E	22-01-2025	23-05-2025 NB.1.8.1 Initial Risk Evaluation 23 May 2025
XFG	25C	JN1 + S:T22N, S:S31P, S:K182R, S:R190S, S:R346T, S:K444R, S:V445R, S:F456L, S:N487D, S:Q493E, S:T572I	27-01-2025	25-06-2025 XFG Initial Risk Evaluation 25 June 2025
Relative to Index: P9L, R21T, P26L, A67V, H69-, V70-, T95I, I101T, C136-, N137-, D138-, P139-, F140-, L141-, G142-, V143-, Y144-, Y145-, H146-, K147-, F157S, N164K, S172F, K187T, N211-, L212I, A243-, L244-, P251S, I326V, G339Y, A348P, S371F, S373P, S375F, R403K, D405N, R408S, K417N, A435S, N440R, V445A, G446D, L452W, N460K, S477N, T478N, E484K, G496S, Q498R, N501Y, K529N, E554D, E583D, D614G, H625R, N641K, V642G, E654K, H655Y, N679R, P681R, A688D, S704L, N764K, K795T, D796Y, A852K, S939F, Q954H, N969K, P1162R, D1184E				
BA.3.2			22-11-2024	<p>05-12-2025</p> <p>BA.3.2 Initial Risk Evaluation 05 December 2025</p>

На сегодняшний день в базе данных GISAID всего представлено геномов SARS-CoV-2 – 17 568 007. За прошедшую неделю число депонированных последовательностей по сравнению с предыдущей неделей увеличилось в 2,9 раза и составило 7 260, за неделю с 3 по 9 января 2026 г. депонировано 2 501 геном.

Удельный вес штаммов, депонированных из США и Великобритании за прошедшую неделю, как и на предыдущей неделе, составил 48,6% от всех по-

следовательностей, размещенных в GISAID (5 352 908 и 3 188 352 геномов соответственно).

Всего в базу данных GISAID депонировано геномов варианта Omicron (B.1.1.529) – 8 423 914. Удельный вес геномов варианта Omicron (B.1.1.529) от всех представленных геновариантов вируса SARS-CoV-2 за анализируемую неделю составил 43,3% (на предыдущей неделе – 37,3%). Отмечается снижение доли исходного варианта Омикрон (B.1.1.529) среди циркулирующих штаммов SARS-CoV-2 и замена его своими субвариантами.

Российскими лабораториями размещено 96 581 генома вируса SARS-CoV-2, в том числе геномных последовательностей варианта Omicron – 48 818.

По данным GISAID EpiCoV, как и на предыдущей неделе, в мире доминирующим геновариантом среди циркулирующих штаммов вируса SARS-CoV-2 является XFG и его сублинии(рис. 1).

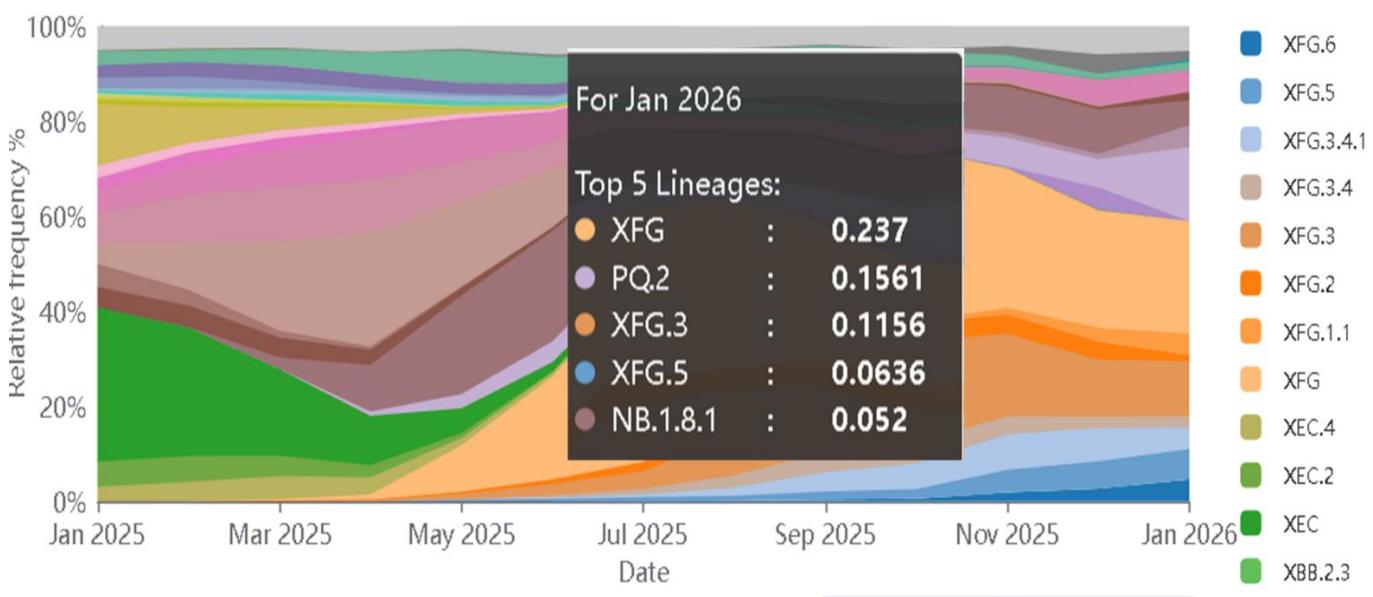


Рисунок 1. Частота проявлений геновариантов SARS-CoV-2 (по состоянию на 16 января 2025 г.)

Распространение в регионах ВОЗ субвариантов Omicron секвенированных и загруженных в базу данных GISAID по состоянию на 16 января 2025 г. представлено на рисунках 2, 3 и 4. В Европейском и Американском регионах на текущей неделе по-прежнему доминировал штамм XFG и его сублинии (50% и

53,4% соответственно). В динамике распространения варианта XFG и его сублиний в сравнении с предыдущей неделей наблюдается снижение в Европейском регионе – на 2,2%, в Американском регионе – на 7,1% (рис. 2).

В Западно-Тихоокеанском регионе в группе циркулирующих штаммов преобладали варианты XFG и NB.18.1 со снижением в динамике распространения (в 1,2 раза и 1,4 раза соответственно) (рис 3).

В Африканском регионе на анализируемой недели доминировал вариант XFG (рис.3). В регионе Юго-Восточной Азии отмечено распространение одного варианта – JN.1 (рис. 4).

Данные о циркулирующих штаммах Восточно-Средиземноморском регионе в базе GISAID за неделю с 10 по 16 января 2026 г. не обновлялись. (рис. 4).

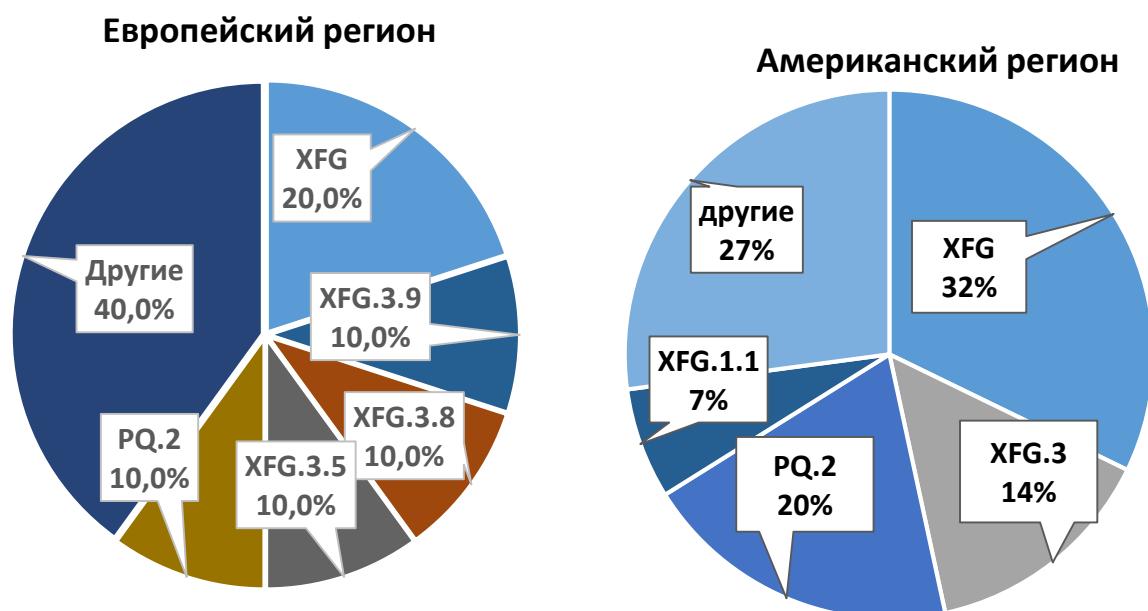


Рисунок 2 Распространение субвариантов Omicron в Европейском и Американском регионах

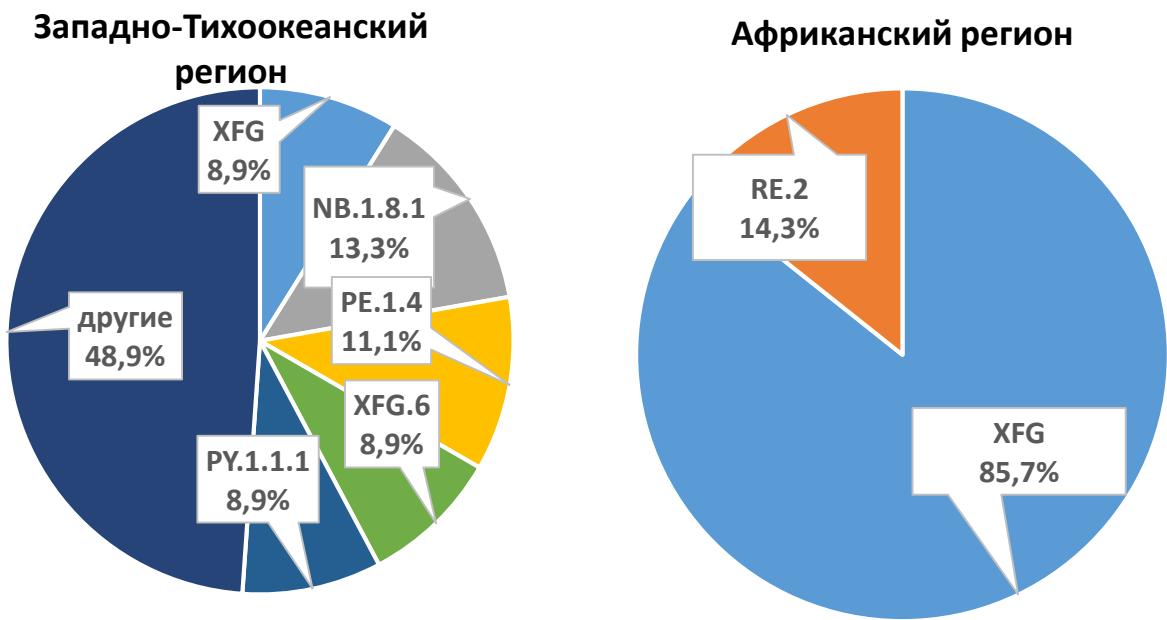


Рисунок 3 Распространение субвариантов Omicron в Западно-Тихоокеанском и Африканском регионах

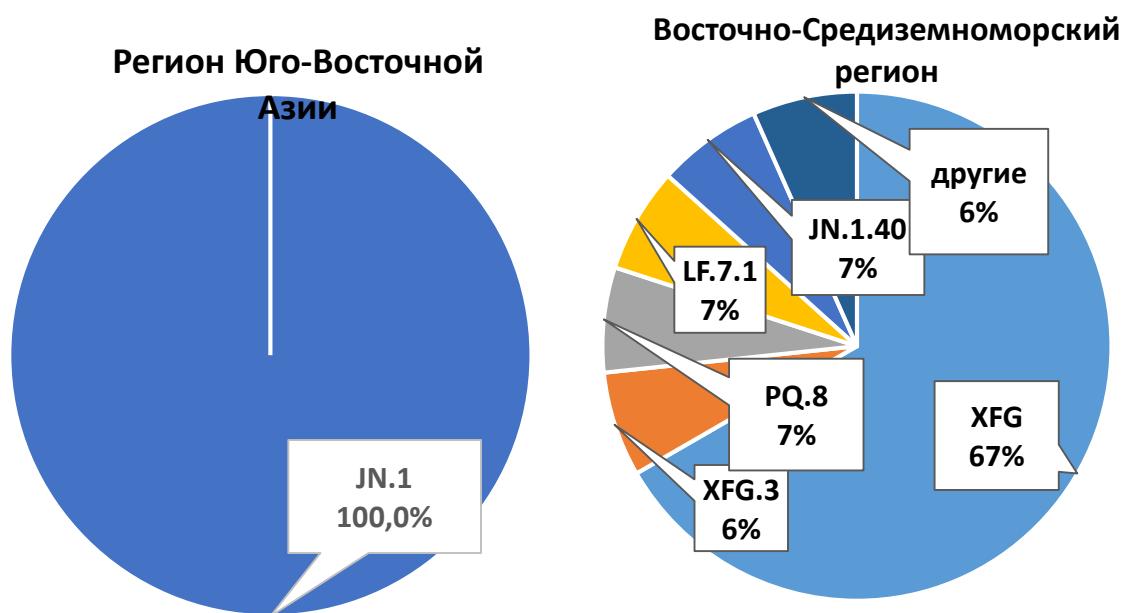


Рисунок 4 Распространение субвариантов Omicron в регионах Юго-Восточной Азии и Восточного Средиземноморья

Варианты, вызывающие интерес (VOI)

Геномные последовательности субварианта JN.1 («Pirola») представлены из 155 стран. Доля варианта JN.1 продолжает снижаться. За прошедшую неделю распространенность субварианта зарегистрирована на уровне 7,4%.

Варианты, находящиеся под наблюдением (VUM)

С момента идентификации в базе данных GISAID распространение субварианта KP 3.1.1 зарегистрировано в 84 странах. За анализируемую неделю распространенность оценивается на низком уровне около 3,4%. За последние 4 недели вариант в базу данных загружен в основном из Австралии и Новой Зеландии.

В GISAID геномы варианта LP.8.1 размещены из 74 стран, на текущей неделе распространенность составляет менее 1%.

Циркуляция субварианта NB.1.8.1 («Nimbus») установлена в 69 странах. После снижения в июле-октябре 2025 г. отмечается рост распространения субварианта, его доля среди размещенных в базе GISAID штаммов SARS-CoV-2 составила 19,8%.

Субвариант XFG («Stratus») секвенирован как минимум в 90 странах, на текущей неделе распространение в мире XFG и его сублиний составило 70,2% (+ 12%). Значительное распространение варианта отмечено в США, Италии, Канаде, Сингапуре, Великобритании и Германии (от 81,2% до 43,9%).

Субвариант BA.3.2 («Cicada») обнаружен как минимум в 11 странах (ЮАР, Сингапур, Дания, Германия, Ирландия, Нидерланды, Словения, Великобритания, Люксембург, США, Австралия) (Рис.5). Доля штамма среди депонированных в базе GISAID на анализируемой неделе составила 2,8%



Рисунок 5 Географическое распределение варианта между (10.01.2025г. – 15.12. 2025г.) (<https://www.epicov.org/epi3/frontend#46dce3>)

Публикации

1. Cell Rep. 2025 Dec 30;45(1):116800. doi: 10.1016/j.celrep.2025.116800.
Online ahead of print.

Affinity maturation and light-chain-mediated paratope diversification anticipates viral evolution

Усиление аффинности и диверсификация паратопов, опосредованная легкой цепью, предвосхищают эволюцию вирусов.

[John Dingus](#), [Duck-Kyun Yoo](#), [Sachin Kumar](#) и др.

Ключевая цель вакцинологии — обучить иммунную систему борьбе с существующими патогенами, одновременно подготавливая её к будущим вариантам. В данной работе изучено, как вакцинация мРНК Sars-CoV-2 (GHV2) из штамма Ухань создает «превентивный спектр» в семействе антител, демонстрирующих комплементарность первичной линии к сайту связывания ACE2 на рецептор-связывающем домене (RBD). Антитела IGHV3-53/66 от вакцинированных лиц, не подвергавшихся инфекции, часто нейтрализуют варианты Omicron и содержат характерные мутации, расширяющие спектр действия. Хотя прорывная инфекция Omicron не изменяет частоту мутаций IGHV3-53/66, она модифицирует частоту пар легких цепей Ig, что предполагает существование вариант-обусловленного отбора благоприятных пар. Структурный анализ комплексов IGHV3-53/66-RBD показывает, что характерные мутации тяжелых цепей уточняют взаимодействия с консервативными остатками RBD, в то время как альтернативные пары легких цепей Ig модифицируют контакты в местах мутаций Omicron. В совокупности эти результаты подтверждают кооперативную модель прогнозируемого спектра, включающую нацеливание на функционально ограниченный эпитоп, созревание аффинности для создания буфера аффинности и альтернативные пары легких цепей Ig для диверсификации паратопов, что обеспечивает механистическую основу для прогнозирования вирусной эволюции.

2. Commun Med (Lond). 2026 Jan 9;6(1):22. doi: 10.1038/s43856-025-01273-z.

Genomic epidemiology of SARS-CoV-2 in Peru from 2020 to 2024

Геномная эпидемиология SARS-CoV-2 в Перу в период с 2020 по 2024 год.

Benjamin Sobkowiak, Amy Langdon, Pedro E Romero и др.

В этом исследовании описывается геномное разнообразие, динамика передачи и географическое распространение SARS-CoV-2 в Перу в период с 2020 по 2024 год. Проанализировали почти 50 000 высококачественных общедоступных последовательностей генома SARS-CoV-2, собранных по всей стране в период с марта 2020 по март 2024 года. Были проведены филогеографический и мутационный анализ для выявления вариантов вируса, отслеживания их происхождения и картирования перемещения внутри и за пределами Перу. Показано, что эпидемические волны в Перу были сформированы появлением локально эволюционировавших вариантов, включая субштаммы Lambda (C.37), Gamma (P.1.12) и Omicron (XBB.2.6 и DJ.1). Город Лима выступал в качестве основного центра межрегионального распространения, на его долю приходилось 47,3% предполагаемых перемещений вируса в другие департаменты, в частности, в Анкаш, Куско и Пиуру. Из Перу различные линии распространились на международном уровне, главным образом в Чили, США и Европу. Мутационный анализ выявил критические мутации в белке-шипе, включая L452Q и F490S в Lambda, связанные с уклонением от иммунного ответа и повышенной трансмиссивностью. Эти результаты демонстрируют, как геномный надзор может помочь в отслеживании новых вариантов и в разработке мер по контролю будущих вспышек.

3. Elife. 2025 Dec 30:14:RP108922. doi: 10.7554/eLife.108922.

Evolution of a fuzzy ribonucleoprotein complex in viral assembly

Эволюция нечёткого рибонуклеопротеинового комплекса при сборке вируса

Huaying Zhao, Tiansheng Li, Sergio A Hassan и др.

Ранее авторы показали, что генетическое разнообразие белка нуклеокапсида (N) SARS-CoV-2 проявляется в широком спектре биофизических свойств, обусловленных нелокальным воздействием точечных мутаций на его внутренне неупорядоченные области (Nguyen et al., 2024). Это включает модуляцию самоассоциации, например, создание *de novo* интерфейса связывания посредством мутации P13L, характерной для вариантов Omicron. В настоящей работе анализировали ключевую функцию белка N — конденсацию вирусной РНК в рибонуклеопротеиновые частицы (РНП) для сборки вируса. В отсутствие высокоточной структурной информации биохимические и биофизические подходы позволили выявить архитектурные принципы РНП, которые включают кооперативные взаимодействия нескольких белок-белковых и белок-РНК интерфейсов, инициируемые олигомеризацией консервативных транзиторных спиралей в центральном неупорядоченном линкере N-белка. Изучали влияние мутаций N-белка в рассматриваемых вариантах на формирование РНП, используя биофизические методы, анализ вирусоподобных частиц и эксперименты по обратной генетике. Обнаружена конвергентная эволюция при многократном, независимом введении аминокислотных замен, усиливающих существующие интерфейсы связывания, компенсируя другие замены, которые способствуют репликации вируса, но снижают стабильность РНП. Кроме того, показано, что мутация P13L вариантов Omicron усиливает сборку РНП и повышает жизнеспособность вируса. В целом, эти данные показывают, что РНП-комплексы обладают высокой вариабельностью не только по последовательности и конформациям, но и по термодинамической и кинетической стабильности, при этом их плеоморфизм влияет на основные архитектурные принципы. Предполагается, что образование полидисперсных, нечетких кластеров N-РНК с множеством распределенных слабых связывающих интерфейсов оптимизирует обратимую конденсацию РНК, одновременно поддерживая адаптацию к хозяину и позволяя исследовать большое пространство последовательностей.

4. J Epidemiol Glob Health. 2026 Jan 10. doi: 10.1007/s44197-025-00510-x.
Online ahead of print.

The Emergence and Characterization of SARS-CoV-2 Variant XFG ("Stratus"): Comparative Virological, Epidemiological, and Public-Health Perspectives

Появление и характеристика варианта XFG вируса SARS-CoV-2 («Stratus»): сравнительные вирусологические, эпидемиологические и медико-санитарные аспекты.

Leena E Azhar, Dania A Samkari, Ahmed M Hassan и др.

Вирус SARS-CoV-2 продолжает диверсифицироваться под селективным давлением популяционного иммунитета, при этом рекомбинация все больше способствует появлению новых линий. Рекомбинантная линия XFG («Stratus»), обнаруженная в начале 2025 года, привлекла внимание, поскольку она сочетает в себе генетические особенности различных потомков Omicron и распространилась по нескольким регионам. Цель данного исследования — обобщить имеющиеся вирусологические, иммунологические, эпидемиологические и клинические данные о XFG и оценить ее значение для общественного здравоохранения путем сравнения с тесно связанными линиями JN.1 и NB.1.8.1, происходящими от Omicron. В данном обзорном исследовании имеющиеся молекулярные и иммунологические данные интегрированы с результатами эпидемиологического надзора и появляющимися клиническими отчетами, что позволяет преобразовать технические данные в выводы, актуальные для систем здравоохранения и обслуживаемого ими населения. В имеющихся наборах данных XFG демонстрирует умеренное ускользание от иммунного ответа и умеренное преимущество в росте, однако нет признаков увеличения клинической тяжести по сравнению с недавними субпопуляциями Omicron. Имеющиеся данные подтверждают сохраняющуюся эффективность вакцин и противовирусных препаратов, демонстрируя, что постепенная адаптация вируса совместима со стабильными клиническими результатами в иммунологически развитых популяциях. XFG является примером продолжающейся, «тихой» эволюции SARS-CoV-2 — более соответствующей тонкой настройке антигенов, чем сдвигу в сторону большей вирулентности. Для отдельных лиц практический посыл остается неизменным: необходимо своевременно проходить вакцинацию, если это возможно, и обращаться за медицинской помощью при повышенном риске. Для систем здравоохранения постоянный ге-

номный надзор, целенаправленная защита уязвимых групп и взвешенная коммуникация рисков остаются центральными факторами устойчивого сосуществования с SARS-CoV-2.

5. Microbiol Spectr. 2026 Jan 6;14(1):e0243225. doi: 10.1128/spectrum.02432-25. Epub 2025 Dec 5.

Impact of prolonged infection on SARS-CoV-2 evolution

Влияние длительной инфекции на эволюцию SARS-CoV-2

Fang Yan, Qiushi Jin, Yuanguo Li и др.

Пациенты с ослабленным иммунитетом, страдающие от длительной инфекции, вызванной SARS-CoV-2, могут служить резервуарами для вирусной эволюции, при этом субоптимальный иммунный ответ способствует накоплению адаптивных мутаций. Целью данного исследования было охарактеризовать факторы, определяющие адаптивную эволюцию SARS-CoV-2 у таких хозяев, посредством геномного мониторинга. Ретроспективно проанализировали данные 24 пациентов с длительно положительными результатами ОТ-ПЦР-теста из ногоглотки (продолжительность появления симптомов: в среднем 7-14 дней, 1 ВИЧ-позитивный пациент с длительностью инфекции более 20 дней). Большинство инфекций (апрель-май 2022 г.) были вызваны вариантами Omicron (преимущественно BA.2). Филогенетический анализ выявил ускоренную вирусную эволюцию у пациентов с различными сопутствующими заболеваниями (например, ВИЧ и рак пищевода). В общей сложности было выявлено 78 одноклеточных вариантов, при этом горячие точки были обнаружены в ORF1ab (53,8%) и кодирующей области белка Spike (20,5%). Примечательно, что вирус у ВИЧ-позитивного пациента развил уникальные мутации: NSP3-T779I, NSP15-A94T и двойные мутации Spike N440K и I794T. Функциональные анализы показали, что двойная мутация N440K/I794T значительно повысила инфекционность в клетках Hela-hACE2 ($P < 0,05$), но снизила способность к уклонению от иммунного ответа (50% нейтрализующий титр увеличился примерно в 2 раза по сравнению с BA.2, $P < 0,001$). Мутация I794T была позже обнаружена в штамме JN.1.16, что предполагает потенциальную эволюционную персистенцию. Длительная репли-

кация SARS-CoV-2 у лиц с ослабленным иммунитетом, особенно у ВИЧ-позитивных людей, приводит к адаптивным мутациям с измененной инфекционностью и способностью избегать иммунный ответ. Эти результаты подчеркивают необходимость мониторинга таких лиц для предотвращения распространения потенциально трансмиссивных вариантов.